

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

1

caa gtt tga gat att taa att att att ttg gtg cta aga aaa att ttg tga aaa ATG AAT
M N

61

TAT TCA AAG GAT GCC CCA GAA TTT GTT GTG TCT CCA AAA GAT GCA CGC GAA TTT GTT GTA
Y S K D A P E F V V S P K D A R E F V V

121

AAA TGT ATG CAA ACA GTT GGA ACA TCC CCT GAC CAT GCT GGT CAA TTA GCA GAT CTA TTA
K C M Q T V G T S P D H A G Q L A D L L

181

TTG GAT GCT GAT CTT GTT GGA CAC TAT AGT CAT GGT CTA AAT CGA CTT CAT ATT TAT GTG
L D A D L V G H Y S H G L N R L H I Y V

241

GAT GAC GTC AAA AAC GGA GTT AAA GGA AAT GGA GTT CCA AAA GTG TTA AAA CAA AAA GGA
D D V K N G V K G N G V P K V L K Q K G

301

GGC ACT GCT TGG GTT GAT GGA GAA AAT CTT CTG GGT GCA GTT GTT GGA AAC TTC TGT ACC
G T A W V D G E N L L G A V V G N F C T

361

GAC TTG GCT ATT AAA TTG GCT AAA GAA TTT GGC GTT GCT TGG GTG GTA ACA AAA AAT TCT
D L A I K L A K E F G V A W V V T K N S

421

AAT CAT TAT GGA GCT TGT CAA CAT TAT ACT AAG AAA ATT GCA AAT GCA GGA ATG GTG GGA
N H Y G A C Q H Y T K K I A N A G M V G

481

ATG TCT TTT ACA AAT ACA TCG CCT CTC ATG TTC CCC TGC CGA TCT TCT GAG ATT GGA CTT
M S F T N T S P L M F P C R S S E I G L

541

GGT ACA AAC CCT CTT TCT TGT GTG AAC TCG GAA AAG ACA GGA GAC AGT TTT TTG TTA
G T N P L S C C V N S E K T G D S F L L

601

GAC ATG GCT ACG ACA ACT GTT GCT CTT GGA AAG GTA GAG CTG GCA GAT TGT CGC GGT AAA
D M A T T T V A L G K V E L A D C R G K

661

ACA CAA ATT CCC TCC ACA TGG GGT GCC GAT TCT AAA GGC AAT CCA TCG ACT GAT ACA CAA
T Q I P S T W G A D S K G N P S T D T Q

721

GTT GTT TTA CAC GGT GGC GGA CTT TTG CCT TTA GGC GGT ATA GAA GAG ACG GGA TCT TAC
V V L H G G L L P L G G I E E T G S Y

781

AAA GGA ACG GGT CTT TCA ATG ATG GGT GAA TTG TTT TGT GGA ATT TTG GCA GGG TCA AGT
K G T G L S M M G E L F C G I L A G S S

841

TTT GGA AAA AAT GTA CGA TTA TGG GGG CAA TCA CAC AAA GCC GCT GAC AAT GGC CAA TGT
F G K N V R L W G Q S H K A A D N G Q C

901

TTT GTT GCT ATT GAT CAA GAA TGT TTT GCC CCA GGA TTT GCT CCT CGT TTA CAA CAA TTT
F V A I D Q E C F A P G F A P R L Q Q F

961

TTG GAT GAA ACA CGG AAT TTG AAA CCG ATT TCT GAA GAA AAG CCT GTT CTA GTG CCT GGA
L D E T R N L K P I S E E K P V L V P G

1021

GAT CCT GAA AGA ATG AAT ACA GAA TAT AGC CAA AAG GCT GGA GGT TTG GTA TAC CAA GAA
D P E R M N T E Y S Q K A G G L V Y Q E

1081

GGG CAG ATA AAA GCT TTG GAA GAG TTG GCC ACA AAA TGT GAT GTT CAA ATG TTC TCA TAC
G Q I K A L E E L A T K C D V Q M F S Y

1141

AAA CGA CTA AAA tga gga tga gat tta aat att ttt ttg tgt agc tga aac tga ctt caa
K R L K *

1201

acg aga aat gaa caa ttt cct aaa aag cag tta gat aag ggt tta ttt ttc att tat tta

1261

ttt ttt aac ctc att ttt tat ata cga ata aaa tta atg ctc *aa aaa aaa aaa aaa

1321

aaa aaa a

tgg tgc taa gaa aaa ttt tgt gcg aaa ATG AAT TAT TCA AAG GAT GCC CCA GAA TTT GTT
M N Y S K D A P E F V
61
GTC TCT CCA AAA GAT GCT CGC GAA TTT GTT GTA AAA TGT ATG CAA ACA GTT GGA ACA TCC
V S P K D A R E F V V K C M Q T V G T S
121
CCT GAC CAT GCT GGT CAA TTA GCA GAT CTC TTA TTA GAT GCT GAT CTT GTT GGG CAT TAC
P D H A G Q L A D L L D A D L V G H Y
181
AGT CAT GGT CTA AAT CGG CTT CAT ATT TAT GTG GAT GAC GTC AAA AAT GGA GTT AAA GGA
S H G L N R L H I Y V D D V K N G V K G
241
AAT GGA GTT CCA AAA GTG TTA AAA CAA AAA GGA GGC ACT GCT TGG GTG GAT GGA GAA AAT
N G V P K V L K Q K G G T A W V D G E N
301
CTT TTG GGT GCA GTT GTT GGC AAC TTC TGT ACC GAT TTG GCT ATT AAA TTG GCT AAA GAA
L L G A V V G N F C T D L A I K L A K E
361
TTT GGT GTT GCT TGG GTG GTA ACA AAA AAT TCT AAT CAT TAT GGA GCT *GT CAA CAT TAT
F G V A W V V T K N S N H Y G A X Q H Y
421
ACT AAG AAA ATT GCG AAT GCA GGA ATG GTG GGA ATG TCA TTT ACA AAT ACT TCA CCT CTC
T K K I A N A G M V G M S F T N T S P L
481
ATG TTC CCC TGC CGT TCT TCT GAG ATC GGA CTA GGC ACA AAC CCT CTT TCT TGT TGT GCC
M F P C R S S E I G L G T N P L S C C A
541
AAC TCG GAA AAG ACA GAA GAC AGT TTT TTG TTA GAC ATG GCT ACT ACA ACT GTT GCT CTA
N S E K T E D S F L L D M A T T T V A L
601
GGA AAG GTT GAG CTG GCA AAT TGT CGC GGT AAA ACA CAA ATT CCC TCA GCA TGG GGT GCC
G K V E L A N C R G K T Q I P S A W G A
661
GAT TCT AAA GGC AAT CCA TCA ACA GAC ACA CAA GTT GTT TTA CAT GGT GGC GGA CTT TTG
D S K G N P S T D T Q V V L H G G G L L
721
CCT TTA GGC GGT ATA GAA GAG ACG GGA TCT TAC AAA GGA ACG GGT CTC TCA ATG ATG GGT
P L G G I E E T G S Y K G T G L S M M G
781
GAA TTG TTT TGT GGA ATT TTG GCA GGG TCA AGT TTT GGA AAA AAT GTA CGA TTA TGG GGG
E L F C G I L A G S S F G K N V R L W G
841
CAA TCA CAC AAA GCC GCT GAC AAT GGC CAA TGT TTT GTT GCT ATT GAT CAA GAA TGT TTT
Q S H K A A D N G Q C F V A I D Q E C F
901
GCC CCA GGA TTT GCT CCT CGT TTA CAA CAA TTT TTG GAT GAA ACA CGG AAT TTG AAA CCG
A P G F A P R L Q Q F L D E T R N L K P
961
ATT TCT GAA GAA AAG CCT GTT CTA GTG CCT GGA GAT CCT GAA AGA ATG AAT ACA GAA TAT
I S E E K P V L V P G D P E R M N T E Y
1021
AGC CAA AAG GCT GGA GGT TTG GTA TAC CAA GAA GGG CAG ATA AAA GCT TTG GAA GAG TTG
S Q K A G G L V Y Q E G Q I K A L E E L
1081
GCC ACA AAA TGT GAT GTT CAA ATG TTC TCA TAC AAA CGA CTA AAA TGA gga tga gat tta
A T K C D V Q M F S Y K R L K *
1141
aat att ttt ttg tgt agc tga aac tga ctt caa acg aga aat gaa caa ttt cct aaa aag
1201
cag tta gat aag ggt tta ttt ttc att tat tta ttt ttt aac ctc att ttt tat ata cga
1261
agc aga tat gac tga aac tgg agg tgg tga ttc tqt tqa atc tgc aag tqt tta tgc taa

FIGURE 2A

132
ctc tgt ttg tga aat gtg cgg aaa tta tga ggt tca act tca aac aat tca aag cag tca

1381
gga tac tct cag gga gaa att ggc agc tgc taa aga att gta tga gaa ata tgg caa gga

1441
att gac aga aga gag gca tta tcg aaa gga att gga aat taa att tgc tgc ttt aaa tga

1501
aga aac tga agg gaa aat tca gca atg tat tac 'caa tac aga aga ctt tga cag cgt att

1561
gcc ttc tca gta aaa aac aa* aag ctg att tgt ctg ttt tgg aat c*c aat tag aat tgg

1621
cta gga atc gtc aaa aag agc ttc aag aac aat tgg ttt tgt taa atg aaa ggt atg aaa

1681
aac ttt tac att taa aat ctc aat gtg ctg aag aaa tgc gtg aac aac aaa ttg aac tgc

1721
ctc aaa cag ttg aag aac ttc aat ttt tgg cat tgc agt tga *ag agg aat tga taa ctg

1781
aac gtg cag cac gtg agc atg aaa gga ggg aat taa atg aat tgg cta tgg cac gtc

1841
aac agc ttg ttg aat tgg aaa ttt gtc c*a gag aaa atg aag aat gaa ttt tat gat ata

1901
taa aaa tat att tat ttt gct caa ata g*t ttt ata aat ttt aag agc tga tag aaa aat

1961
tta gtt ttg *aa ttt ttg aag aat ata ttt t*t acg gtt tgc ac* cct tag aat ggt ttt

2021
gtt tta ata aat qc* c*g gtt gg* aaa aaa aaa aaa aaa aaa aaa aaa

主 要 文 章

FIGURE 2B

Amino acid alignment

1 *M. incognita* MDH1

2 *M. incognita* MDH2

3 *C. elegans* MDH1

4 *C. elegans* MDH2

10	20	30	40	50	60
1. MNYS	KDAP[E]FVVSPKDARE	FVVK			23
2. MNYS	KDAP[E]FVVSPKDARE	FVVK			23
3.	MTIKDKREFNETDEIVISKEKIDS	TVLE			23
4. MNLLORALVFTGGHISRYQAVIAVNSVGKNARELYSTDDNMAAPEE	SVVAKDEMKR	FLVE			60
70	80	90	100	110	120
1. CMQT VGTSPDHAG QLAQI LLDADLVGHYSGLERLHIYVDVKNG	VKGNGVPKVLK	QKG			82
2. CMQT VGTSPDHAG QLAQI LLDADLVGHYSGLERLHIYVDVKNG	VKGNGVPKVLK	QKG			82
3. CIEAKAGCTGDAHQQLAETLILCSIDVRGHYSGLIIRLHIYVHDIMMK	STAVTGTPOVLKSKG				83
4. CMTKVGETSHATOLALVLLEGDIRGHYSGLERLDLYVRDIE9NVC	KEDGEPIHLKEKA				120
130	140	150	160	170	180
1. GТАAWVDGE NLLGAVVGNFCTDLAIKIAKEFGVAWVVTKNS NHYGACQHYTKKIANACMVG					142
2. GТАAWVDGE NLLGAVVGNFCTDLAIKIAKEFGVAWVVTKNS NHYGACQHYTKKIANACMVG					142
3. STAWVDG NLLGPVVGNCMQLAVERAKEFGICWVVCRNS NHIGIAGWYADFACRNGLVGC					143
4. GТАAWVDGE NLLGPVVGNCMQLAVERAKEFGICWVVAKGSNHYGIAAGWYALRAMKKEMLG					180
190	200	210	220	230	240
1. MSFTNTSPPLMFP CRSSEIGLGTNPLSCCVASEKTGDSFILDMAATTVAIGKVELADCRGK					202
2. MSFTNTSPPLMFP CRSSEIGLGTNPLSCCVASEKTGDSFILDMAATTVAIGKVELANCRCGK					202
3. MAFTNTSPCVFPTGSEKSLGSNPI CMAAPGMEGDSFILDMAATTVAYGKTEWADRKG					207
4. MSMTHTSPISFPTRSAVPALGTNPI SIAAPGTCDDSFVLDMAATTVAIGKVELAARK.E					238
250	260	270	280	290	300
1. TQIPSTWGADSKGHPSTDQVVLHGGGLLPLGGIEETGSYKETGLSMMGELFCGILAGSS					262
2. TQIPSAWGADSKGHPSTDQVVLHGGGLLPLGGIEETGSYKETGLSMMGELFCGILAGSS					262
3. TYIPIGSWGADKNGDETNPKEVLDGGELQPLGGSEITGGYKETGLCMMVEVLCGIMGGSA					267
4. NEVPLSWGVGECCKETDPPTKVLYCGGLLPLGGVEVS CGYKGYGLSSMIEIFCGILAGAH					298
310	320	330	340	350	360
1. FGKNVRLWGQSHKAADNGQCFVAIDQECFAPGFAPRLQFIDETRNLKPISEEKPVLVPG					322
2. FGKIVRLWGQSHKAADNGQCFVAIDQECFAPGFAPRLQFIDETRNLKPISEEKPVLVPG					322
3. FGKIVRLQWQTTSKTADLGQCFVAIDPECFAPGFSLRQEFCDETRNLKPISEEKPVLVPG					327
4. WEPHVRKWMSKSEADLGQCFVAIDPECAFAPGFADRLQDFMOTMRAALPTSSPSFKVIEVAG					358
370	380	390	400		
1. DPERMINTEYSOKAGGIIVYQEGQIKALEELATKCDVOMFSYKRLK					366
2. DPERMINTEYSOKAGGIIVYQEGQIKALEELATKCDVOMFSYKRLK					366
3. DPERAHMMMCDDLGCIIVYKKQLDHLKLNADRLGVIMRLVDEKPO					372
4. DPERHRHEALVEQLGGIIFYHKEQITIVNDLAALKCVKTVVDLVQ.					400

FIGURE 3